

# Listeria: Biología e infección (LisBio)

**CARLA PALACIOS GORBA, YUVAL MARKOVICH, ALBA ESPÍ MALILLOS, JULIETTE POUJOL DE MOLLIENS, MIREIA PALANCA GISBERT, GUILLERMO CASTEJÓN LÓPEZ Y JUAN JOSÉ QUEREDA TORRES**

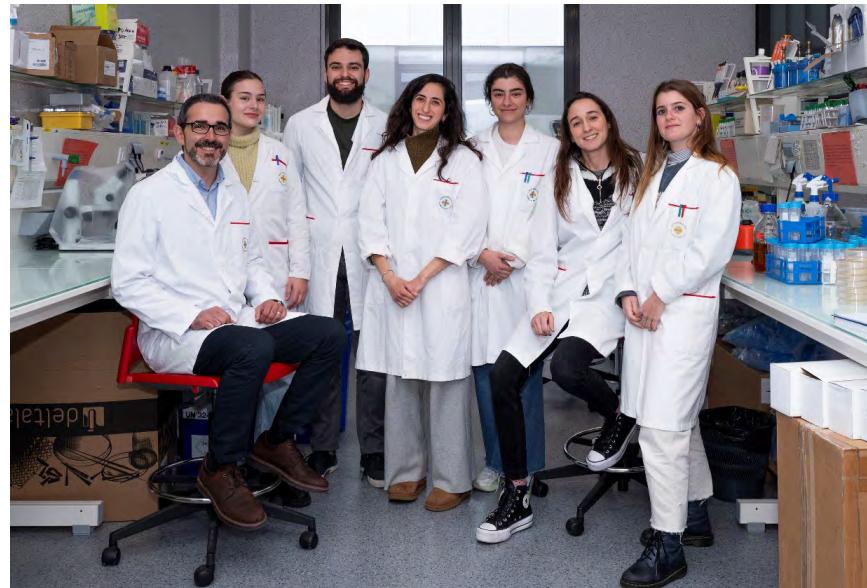
Departamento Producción y Sanidad Animal, Salud Pública Veterinaria y Ciencia y Tecnología de los Alimentos, Facultad de Veterinaria, Universidad Cardenal Herrera-CEU, CEU Universities (España)

✉ [juan.quereda@uchceu.es](mailto:juan.quereda@uchceu.es)

La listeriosis es la zoonosis alimentaria con mayor tasa de hospitalización y letalidad. La listeriosis es causada por *Listeria monocytogenes*, un patógeno bacteriano distribuido globalmente en una amplia variedad de especies de mamíferos y no mamíferos domésticos y silvestres. *L. monocytogenes* es una bacteria Gram-positiva intracelular facultativa, osmo y halotolerante que crece en un amplio rango de temperaturas (1-45 °C) y pH (5-9) (Quereda *et al.*, 2021).

Tanto en humanos como en animales, la infección por *L. monocytogenes* se atribuye principalmente al consumo de alimentos contaminados. Hoy en día, las autoridades reguladoras consideran que todas las cepas de *L. monocytogenes* son igual de virulentas. Sin embargo, la población de *L. monocytogenes* es diversa. El linaje I se aísla con mayor frecuencia en casos clínicos, mientras que el linaje II se asocia fundamentalmente a los alimentos (Markovich *et al.* 2025). Tradicionalmente, la mayoría de los estudios de patogénesis de *L. monocytogenes* se han realizado con cepas de referencia del linaje II. El uso continuado de estas cepas de referencia ha llevado a una subestimación de la biodiversidad de *L. monocytogenes* y, por tanto, de la heterogeneidad que puede existir en los mecanismos de virulencia utilizados por las cepas del linaje I y II.

La EFSA ha notificado un incremento en los casos confirmados de listeriosis a lo largo de los últimos años. Por ello, es necesario comprender las rutas de circulación y los reservorios de esta bacteria. En nuestro grupo de investigación trabajamos desde la perspectiva One-Health aplicando enfoques genómicos para comprender el comportamiento, la transmisión, la virulencia y la evolución del género *Listeria* así como su asociación con huéspedes (humanos y animales), alimentos/industrias y medioambiente.



**Miembros del grupo LisBio.** De izquierda a derecha: Juan José Quereda Torres (IP), Mireia Palanca Gisbert (doctoranda), Guillermo Castejón López (doctorando), Yuval Markovich (doctora), Alba Espí Malillos (doctoranda), Carla Palacios Gorba (profesora) y Juliette Poujol de Molliens (doctoranda).

Nuestro grupo ha descubierto una de las últimas especies del género *Listeria*, *Listeria valentina* (Quereda *et al.*, 2020). Asimismo, mediante estudios de genómica y core genome MLST hemos demostrado como: 1) el complejo clonal de *L. monocytogenes* más prevalente asociado con la listeriosis humana (CC1) está precisamente fuertemente asociado a los rumiantes (Palacios-Gorba *et al.*, 2021) y 2) como los clones más virulentos del linaje I de *L. monocytogenes* circulan entre la población humana, aguas residuales, medio ambiente, animales y alimentos identificando los factores de virulencia que les permiten asociarse a hospedadores (Markovich *et al.*, 2025). En el ámbito de la patogénesis, hemos investigado el rol de distintos factores bacterianos y de la célula eucariota que median durante la infección (Quereda *et al.*, 2019; 2022).

Además, descubrimos el estado de portador asintomático de *L. monocytogenes* en los animales domésticos y silvestres, identificando las tonsillas como órgano reservorio de este patógeno (Palacios-Gorba *et al.*, 2023). También hemos descrito la existencia de infecciones atípicas de *Listeria* en casos de linfadenitis mesentérica en animales de compañía, revelando la diversidad genómica de las cepas en las lesiones y evidenciando la importancia de los animales de compañía en el ciclo biológico de *L. monocytogenes* (García-de la Virgen & López-Almela *et al.*, 2024). A través de estudios cinéticos y proteómicos, hemos esclarecido por qué los clones hipervirulentos de *L. monocytogenes* se asocian principalmente a productos lácteos. En particular, observamos cómo este patógeno adapta su proteoma de membrana y pared celular a las condiciones

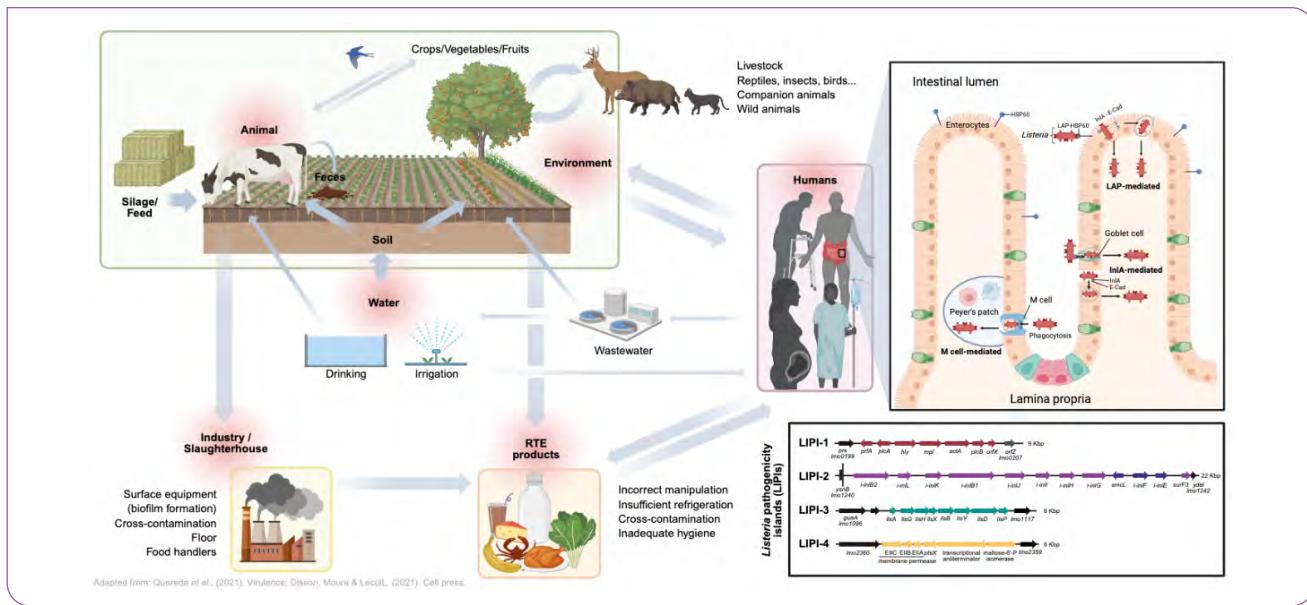


Figura 1. Ciclo de transmisión de *L. monocytogenes*.

específicas de matrices derivadas del hospedador como la leche (Espí-Malillo et al., 2025a). Finalmente, mediante estudios de metagenómica hemos descubierto cómo la dinámica microbiana de la leche cruda en refrigeración depende del tiempo sin verse alterada por *L. monocytogenes* ni por su perfil de virulencia (Espí-Malillo et al., 2025b).

Nuestras líneas de investigación futuras se centran en aumentar el conocimiento sobre los reservorios, la epidemiología, los mecanismos moleculares de patogénesis y la diversidad genética y fenotípica de *L. monocytogenes*. Este enfoque permitirá ayudar a entender cómo esta bacteria cambia su estilo de vida de saprófita a patógeno, mejorando la salud humana y animal, reduciendo la transmisión de patógenos y la contaminación de los productos alimenticios para finalmente aumentar la seguridad alimentaria.

Los resultados obtenidos podrían contribuir a que las autoridades competentes elaboren estrategias de control más eficaces, lo que a su vez serviría de apoyo para futuras mejoras en la legislación alimentaria y las políticas de Salud Pública.

## Bibliografía

Espí-Malillo A, Palacios-Gorba C, López-Almela I, Ruiz-García P, López-Mendoza MC, García-Del Portillo F, Pucciarelli MG, Quereda JJ. (2025a). Kinetic and proteomic studies in milk show distinct pat-

terns among major *Listeria monocytogenes* clones. *Microbes Infect.* 27(1), 105312.

**Espí-Malillo A, López-Almela I, Ruiz-García P, López-Mendoza MC, Carrón N, González-Torres P, Quereda JJ.** (2025b). Raw milk at refrigeration temperature displays an independent microbiota dynamic regardless *Listeria monocytogenes* contamination. *Food Res Int.* (202) 115637.

**Garcia-de la Virgen M, López-Almela I, Moura A, Vázquez S, Perez-Montagud S, Leclercq A, Lecuit M, Quereda JJ.** (2024). Clinical and genomic features of *Listeria monocytogenes*-associated mesenteric lymphadenitis in a cat. *J Vet Intern Med.* 363-369.

**Markovich Y, Moura A, Gomis J, Leclercq A, Gómez-Martín A, Bracq-Dieye H, Palacios-Gorba C, Tessaud-Rita N, Ortolá S, Vales G, Yáñez M-Adela, Thouvenot P, Pérot P, Lecuit M, Quereda JJ** (2025). Predominance of *L. monocytogenes* lineage I clones in wastewater, ruminants, and natural environments. *Environ Microbiol.* 27(9):e70169.

**Palacios-Gorba C, Moura A, Gomis J, Leclercq A, Gómez-Martín A, Bracq-Dieye H, Mocé ML, Tessaud-Rita N, Jiménez-Trigos E, Vales G, García-Muñoz Á, Thouvenot P, García-Roselló E, Lecuit M, Quereda JJ.** (2021). Ruminant-associated *Listeria monocytogenes* isolates belong preferentially to dairy-associated hyper-virulent clones: a longitudinal study in 19 farms. *Environ Microbiol.* 7617-7631.

**Palacios-Gorba C, Moura A, Markovich Y, Tessaud-Rita N, Gómez-Martín Á, Bracq-Dieye H, Gomis J, Vales G, Pastor-Martín M, Thouvenot P, Escrig C, Leclercq A, Lecuit M, Quereda JJ.** (2023). Genomic characterization of *Listeria* spp. isolated from tonsils, udder and feces of domestic dairy ruminants in Spain. *Microbes Infect.* (25)105079.

**Quereda JJ, Morón-García A, Palacios-Gorba C, Dessaix C, García-Del Portillo F, Pucciarelli MG, Ortega AD.** (2021). Pathogenicity and virulence of *Listeria monocytogenes*: A trip from environmental to medical microbiology. *Virulence.* 2509-2545.

**Quereda JJ, Leclercq A, Moura A, Vales G, Gómez-Martín Á, García-Muñoz Á, Thouvenot P, Tessaud-Rita N, Bracq-Dieye H, Lecuit M.** (2020). *Listeria valentina* sp. nov., isolated from a water trough and the faeces of healthy sheep. *Int J Syst Evol Microbiol.* 5868-5879.

**Quereda JJ, Rodríguez-Gómez IM, Meza-Torres J, Gómez-Laguna J, Nahori MA, Dussurget O, Carrasco L, Cossart P, Pizarro-Cerdá J.** (2019). Reassessing the role of internalin B in *Listeria monocytogenes* virulence using the epidemic strain F2365. *Clin Microbiol Infect.* 252.e1- 252.e4.

**Quereda JJ, Morel C, Lopez-Montero N, Ziveri J, Rolland S, Grenier T, Aulner N, Danckaert A, Charbit A, Enninga J, Cossart P, Pizarro-Cerdá J.** (2022). A role for Taok2 in *Listeria monocytogenes* vacuolar escape. *J Infect Dis.* 1005-1010.